

4.01: US-09 525 9981-0-125 25742-1\_PAT613.MN.\* Sat\_14.7.01  
date: Apr 23, 2002 10:15 PM  
owner: BRISTOL-MYERS SQUIBB & COMPANY, INC., a NY corporation  
copyright: (c) 1993-2000 Compugen Ltd.

search information block:







Percent Similarity: 100.000 Percent Identity: 100.000

alignment\_scores: Quality Rating

Strength: 455  
Gaps: 0







1001 TACGGACAGGGAGAAAGAGAGATAGCTGTCGCCCCAAGGAAATAATATC 150  
 1002 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 34 euGlyASpArgGlyLysAspSerValCysSpOGlnLysTyrIleSerIle 50  
 151 CACCTCAAAATAATCGATTCGATGCTGATTAAGTCAGCCAAAGAAACCTA 200  
 152 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 51 HisProGlyAlaAspSerIle: CCGTSSGTTTGTGTTTGTGTTGTTGTTGTTG 67  
 201 CTGTGACATATGACTGCGAGCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATC 250  
 202 ricuGlyASpCysSpOGlnLysAspSerValCysSpOGlnLysTyrIleSerIle 67  
 251 CCGAGACGGCTCCGCCGCGCCGCGCCGCGCCGCGCCGCGCCGCGCCGCGC 400  
 252 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 84 ySGLuSerGlySerPheThrAlaSerIleAsnHsLeuArgLysCysLeu 100  
 301 AGCTGCCAAATGGCGAAAGAAAGGGCAGGAGAACGCTTCCTGCTTCCTGCT 350  
 302 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 101 SerCysSerTysCysTysCysLysMetCysTysCysLysSerValCysLeu 117  
 351 CACGTGAGGGAGAACGCTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGC 400  
 352 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 117 SerValAspArgAspThrValCysCysTysArgCysLysSerValCysLeu 134  
 401 ATTATGGACGAAACCTTTCGAGCTTCGATTCGCGCTTCGCGCTTCGCGCT 450  
 402 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 134 IStyTrpSerGluAsnLeuPheGlnCysPheAsnCysSerLeuCysLeu 150  
 451 AAATGGACTGCGGAACTTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 500  
 452 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 151 AsnGlyThrValHisLeuSerCysGmGluLysGmAsnThrValCysIle 167  
 501 CTGGCATGAACTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 550  
 502 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 167 TcysHsValAlaCysLysCysSerGlyGlnAspCysCysSerGlySerCys 184  
 184 sacytysLysSerLeuCysLysCysSerGlyGlnAspCysCysSerGlySerCys 203  
 551 ACTCTAAAGAAAGCCGCTGACTGCTGAACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTA 550  
 552 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 184 sacytysLysSerLeuCysLysCysSerGlyGlnAspCysCysSerGlySerCys 203  
 601 AACCTAAAGCAGCTACACTACACTACACTACAGCTGCTGCTGCTGCTGCTA 600  
 602 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 203 AsnValTysCysSerGlyGlnAspCysCysSerGlyGlnAspCysCysSerGly 217  
 651 CATTCTCTGGCTCTGGCTCTGGCTCTGGCTCTGGCTCTGGCTCTGGCTCTGG 700  
 652 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 217 IleCysPheCysCysSerCysSerCysSerCysSerCysSerCysSerCys 234  
 701 AACGGTACAAAGCTGAAAGCTGAAAGCTGAACTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 750  
 702 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 234 TrpAT, GlnLysTysCysSerGlyGlnAspCysCysSerGlyGlnAspCysCys 256  
 751 TCGACACGAAAGAGGGAGGAGGAGGAGGAACTACACAAAGGCTCTGCTCTG 800  
 752 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 251 SerThrGlyTysCysSerCysSerCysSerCysSerCysSerCysSerCysSer 267  
 801 GCGCTAAACTAAAGCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 850  
 802 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 284 LysPheSerProSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSer 300  
 851 GCGCGATGCGGAACTGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG 900  
 852 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 284 LysPheSerProSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSer 344  
 901 CGCGCGATGCGGAACTGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG 950  
 902 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 284 LysPheSerProSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSer 344  
 951 CTTATGGCTTAACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1000  
 952 ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| ||||||| |||||||  
 317 GlyTyrGlyAlaAspProSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSerSer 344









Percent Similarity	Qualitative	Qualitative
alignment_block:		
05-09 525-998A-1		
Align seq 1/1 tc		
1 ATGAGCTT	1	1
1	1	1
1 MetGlyLeu	1	1
51 GCTTGTAT	1	1
1	1	1
17 IleLeuVal	1	1
101 TAGGGAGCT	1	1
1	1	1
34 euglyAsp	1	1
151 CACCTCAT	1	1
1	1	1
51 HisProGln	1	1
201 CCTTACAT	1	1
1	1	1
67 rLeuTyraAsp	1	1
251 GTGAGAGCC	1	1
1	1	1
84 ysgLserCys	1	1
301 AGCTTCCT	1	1
1	1	1
101 SerCysSer	1	1
351 CAATTTAA	1	1
1	1	1
117 sthValAsp	1	1
401 ATTATGGGAA	1	1
1	1	1
134 istyTRPS	1	1
451 ATATGACT	1	1
1	1	1
151 AsnGlyThr	1	1
501 CTGCTATGAA	1	1
1	1	1
167 rcysIleAla	1	1
551 ACCTGAACT	1	1
1	1	1
184 sncysLysIle	1	1
601 AAAGTTAA	1	1
1	1	1
231 ASTValIleS	1	1
651 CAATTCCT	1	1
1	1	1
217 IleIleIlePhe	1	1
701 ATUCGCTTAC	1	1
1	1	1
234 yrrArTyrrC	1	1



INFORMATION FOR SEQ ID NO: 48:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 199 amino acids  
TYPE: amino acid  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULAR TYPE: protein  
HE-0465-092-0